

かずさの森から世界へ



2008年10月8日 第10号

<トピックス>

本号では、研究所からのお知らせ(下記)のほか、国際協力により開始することが決まったアブラナ科の野菜であるハクサイのゲノム解読についての「研究最前線」(次ページ)、糖尿病の新たな治療法についておよびDNAから見た日本人の集団の成り立ちについての時事トピックスを掲載しております。

研究所からのお知らせ

生涯大学校OBの皆様が見学に来られました

9月25日、生涯大学校を卒業された後にも定期的に活動されている30名の方々が



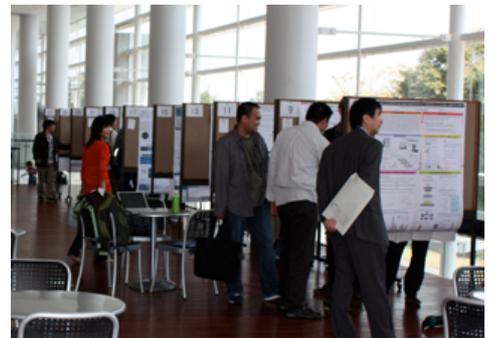
が見学に来られました。まず、DNAの基礎知識や私たちの暮らしへの関わりなどを解説いたしました。参加された方々は何事にも興味関心を強くお持ちのようで、遺伝子組換え食品の安全性、再生医療の今後、DNAマーカー等について多くの質問や感想が寄せられました。また、研究所内を見学した際には、顕微鏡や細かい作業をしている研究者を廊下越しに見ながら、「このような研究が役立つ時代に、早くなってもらいたいね!」との感想も寄せられました。当初1時間の予定が、30分もオーバーしてしまいましたが、「家に帰ったら、孫に今日の話をしてみるわね!」と言ってくださるなど、皆様方の充実した表情にほっとした次第です。

今後とも、DNAについての基礎的なことからや当研究所の役割などについて、一人でも多くの方々に理解していただくよう努めてまいります。

理化学研究所、木原生物学研究所と合同で リトリートミーティングを行いました

10月2-3日に、植物研究者間の交流促進を目的とした、理研植物科学研究センター(横浜/つくば/和光)・かずさDNA研究所(木更津)・木原生物学研究所(横浜)合同リトリート2008を開催いたしました。

東京湾を囲む3つの研究機関から総勢182人の研究者が一堂に会し、植物科学の最新成果や未来について熱気あふれる討論を交わしました。



早稲田大学ASMeWとの合同シンポジウムを行いました

10月3日、早稲田大学ASMeW(先端化学・健康医療融合研究機構)とかずさDNA研究所の第2回合同シンポジウムを開催いたしました。30名近い研究者が健康医療分野で役立つような研究を紹介し、今後の共同研究に向けて議論しました。

研究最前線

ハクサイのゲノム解析

植物遺伝子研究室
室長代理 佐藤修正



植物遺伝子研究室では、ゲノム研究や作物育種の基盤を作るため、1994年の開所以来さまざまな微生物や植物のゲノムを解読し、世界に向けて情報発信をしてきました(かずさDNA研究所ニュースレター、創刊号、第2号、第6号で紹介)。

初期には、シロイヌナズナやミヤコグサなど実験室で使われている植物、その後はトマトやユウカリなどの農作物や有用微生物を解析の対象にしています。さらに、2008年9月にノルウェーのリレハンメルで開催された国際会議で、かずさDNA研究所は日本の代表としてハクサイ (*Brassica rapa*) のゲノム解読国際プロジェクトに参加することが、新たに決まりました。

ハクサイは、ダイコン、キャベツ、カブ、ミズナなどと同じアブラナ科の植物で、千葉県での生産量は全国でも上位です。アブラナ科には、2000年に私たちが植物として世界初の全ゲノム解読に成功したシロイヌナズナも含まれます。日本人は古くからさまざまなアブラナ科の作物を栽培しており、遺伝学の研究もさかんに行われてきました。

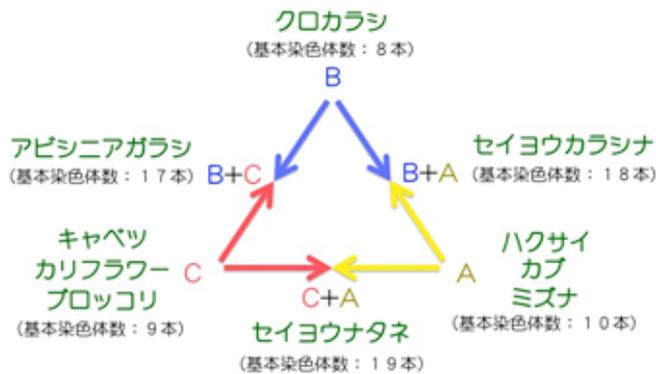


図1：禹長春 (ウ ジャンチュン) の三角形 (1935年発表)

アブラナ科の植物のゲノムはA、B、Cの3種類に大別されており、葉や根の形は大きく異なります。また、よく似たゲノムをもつもの (例えばハクサイとカブ) でも、見かけの形態はかなり異なります。



図2：ハクサイゲノム解読国際プロジェクト

 は千葉県の旗章

その結果、アブラナ科の作物は大別して、Aゲノム (ハクサイ、カブ、ミズナ)、Bゲノム (クロカラシ)、Cゲノム (キャベツ、カリフラワー) と名付けられた3種類のゲノムをもつことがわかりました。これらの植物の染色体数は10本で同じですが、DNAの塩基配列が異なり、したがって遺伝的な特徴も異なっています。そして、これらの作物を互いに交配することで、セイヨウカラシナ (A+B)、アビシニアガラシ (B+C)、セイヨウナタネ (C+A) という、外見がかなり異なる3種類の作物が作り出されたことが、70年以上も前の研究で明らかにされています (図1)。シロイヌナズナに加えてハクサイのゲノムが解読されれば、アブラナ科の作物がもつこのような遺伝的な多様性や、それがどのようにしてできているのかということへ理解が深まり、より早く新しい特徴をもった作物を作り出すことができるようになりますと期待されています。

ハクサイのゲノムは約5億5千5百万塩基の長さ (イネゲノムの1.4倍、シロイヌナズナの4倍) で、そのうち約6割が重要な遺伝子のある領域だと考えられています。国際プロジェクトには、ハクサイの消費が多い韓国を中心に、日本、イギリス、カナダ、オーストラリア、中国、そして間もなくインドが参加する予定であり、これら7カ国の機関が協力することになっています。

今後は互いに連携をとりながら、2年後の遺伝子領域の解読完了に向けて鋭意解読作業を進めています。

時事トピックス

＊糖尿病の治療法

1型の糖尿病は、膵臓(すいぞう)にあるインシュリン産生細胞(β細胞)の働きが損傷を受け、インシュリンを作れなくなることによって起こります。発症すると、血糖値を調節するためには、生涯インシュリンの注射を継続しなければなりません。そこでこれを回避するために、動物またはヒトのβ細胞を移植する方法の研究が進められています。

米ハーバード大のグループは、京都大学のグループが皮膚の細胞からiPS細胞を作成したのと同様な方法で、遺伝子操作によってβ細胞が働かないようにしたマウスの膵臓に1100種類の遺伝子をウイルスを運び役にして導入し、β細胞ができるかどうかを調べました。その結果、最終的に3つの遺伝子を同時に入れることで膵臓の95%を占める外分泌細胞の一部をβ細胞とよく似た細胞に変化させることに成功しました。これらの遺伝子は、受精卵から生物が発生していく過程で、膵臓ができる時期に働く遺伝子でした。

このβ細胞に似た細胞からはインシュリンが分泌され、その結果、血糖値が下がることが確認されています。この方法を用いると、今話題になっているES細胞やiPS細胞などの根幹の細胞を使わずとも膵臓のβ細胞を効率よく作ることができます。

実際に治療に用いられるまでには、安全性などについて改善しなければならない点が多くありますが、今後同様な方法を神経や肝臓細胞などにも応用することができれば、様々な病気を治療することが可能になると考えられます。

＊ゲノムから見た日本人の集団

わたしたちのゲノムは30億塩基のDNAから成り立っていますが、塩基の配列は個人間で0.5～1%異なるとされています。個人の体質の違いを遺伝的に明らかにして、その人に合った投薬や治療を行う「オーダーメイド医療」を実現するためには、一人一人のDNAを解析する必要があります。しかしながら、個人の全ゲノムを解読して比較するには多額の費用がかかります。

そこで、個人個人のDNAの塩基配列に見いだされる一塩基の違い(一塩基多型)を調べ、一塩基多型と病気になりやすい性質を統計的に関連づけるという方法が開発されてきました。この方法なら、比較的安価で短時間で多量の解析を行うことができますので、今後データが増えてくれば信頼性の高い結果が得られることが期待されます。

ところで、最近理化学研究所のグループは、日本人7,000人のゲノム上に見いだされた約14万カ所の一塩基多型のデータを収集し、得られたデータを統計的に処理することにより、日本人が「本土型」と「琉球型」の2つの大きな集団に分かれることを明らかにしました。さらに、本土の集団間にも地域によって差があり、より小さな集団に分けることも見いだしています。

このような一塩基多型の調査は、日本人の集団形成の推定に役立つだけでなく、集団間の病気になりやすさとか、治療効果などの比較を行なうことで、オーダーメイド医療に近づくための方法の開発にも役立つと考えられます。

財団法人 かずさDNA研究所

〒292-0818 千葉県木更津市かずさ鎌足2-6-7

TEL : 0438-52-3900 FAX : 0438-52-3901

<http://www.kazusa.or.jp/>

<今月の花>

ヤマトリカブト (*Aconitum japonicum*)
キンポウゲ科; 2007年10月13日 撮影)
花言葉: 騎士道、栄光

